

整理番号＝

提出日 平成12年12月22日  
特願2000-336405 頁： 1/ 1

【書類名】 翻訳文提出書

【提出日】 平成12年12月22日

【あて先】 特許庁長官 及川 耕造 殿

【出願の表示】

【出願番号】 特願2000-336405

【特許出願人】

【識別番号】 500509298

【氏名又は名称】 デニス サンガ フエルナンデズ

【代理人】

【識別番号】 100083839

【弁理士】

【氏名又は名称】 石川 泰男

【電話番号】 03-5443-8461

【確認事項】 本書に添付した翻訳文は、外国語書面出願の願書に添付して提出した外国語明細書、外国語図面及び外国語要約書に記載した事項を過不足なく適正な日本語に翻訳したものである。

【提出物件の目録】

【物件名】 外国語明細書の翻訳文 1

【物件名】 外国語図面の翻訳文 1

【物件名】 外国語要約書の翻訳文 1

【プルーフの要否】 要

整理番号＝

提出日 平成12年12月22日  
特願2000-336405 頁： 1/ 20

【書類名】 明細書

【発明の名称】 生体情報トランザクション方法

【特許請求の範囲】

【請求項 1】 ユーザに関連付けられた生体情報値を決定し、  
その生体情報に従って前記ユーザとトランザクションするステップを有する自  
動化トランザクション方法。

【請求項 2】 前記生体情報値が、遺伝学ベースの医学的または生理学的条  
件を有するかまたは発展させる、前記ユーザの可能性またはリスクを備えており

前記トランザクションステップが保険契約を有するユーザを提供して遺伝学ベ  
ース条件の発生を取扱う機能を有する、請求項 1 に記載の方法。

【請求項 3】 前記生体情報値が遺伝学ベースの精神的または感情的条件を  
有するかまたは発展させる前記ユーザの可能性またはリスクを備えており、  
前記トランザクションステップが遺伝学ベース条件の発生を予測しているサ  
ービス契約を有するユーザを提供する、請求項 1 に記載の方法。

【請求項 4】 前記生体情報値が遺伝学ベース条件を有するかまたは発展さ  
せる前記ユーザの可能性またはリスクを備えており、  
前記トランザクションステップが遺伝学ベース条件を提供する販売促進提案と  
入札をユーザを提供する、請求項 1 に記載の方法。

【請求項 5】 前記生体情報値がユーザ認証マスクに従うユーザ分類を備え  
、このマスクが前記ユーザに関連付けた遺伝子配列のサブセットを備えている、  
請求項 1 に記載の方法。

【請求項 6】 前記生体情報値が、統計的または保険統計表、および前記ユ  
ーザに関連付けた遺伝的または遺伝形質プロファイルを基にした遺伝学ベース条  
件を有するかまたは発展させる前記ユーザの可能性またはリスクを備えている、  
請求項 1 に記載の方法。

【請求項 7】 前記生体情報値が、無区分ベースで時間的または管轄的グル  
ープにおいて複数ユーザに適合できるルールセットに従って前記ユーザとのト  
ランザクションに対し処理される、請求項 1 に記載の方法。

【請求項8】 前記ユーザに関連付けられたその他の生体情報値を決定し、前記その他の生体情報値に従って前記ユーザとのトランザクションを変更するステップを有する、請求項1に記載の方法。

【請求項9】 前記その他の生体情報値が、遺伝学ベース条件を有するかまたは発展させる前記ユーザの可能性またはリスクの増減を含んでいる、請求項8に記載の方法。

【請求項10】 前記生体情報値がネットワーク内のサーバで決定され、さらに前記生体情報値が前記サーバに関連付けたデータベース内に機密に格納され、前記サーバがユーザに医学的サービスを提供できるネットワークを介してリモートでトランザクションする、請求項1に記載の方法。

【請求項11】 前記生体情報値をその他のユーザに関連付け、前記生体情報値に従うトランザクションが機密および無区分ベースで両方のユーザで別々に発生する、請求項1に記載の方法。

【請求項12】 前記生体情報値が携帯型ユーザ装置によって認証されて発生し、前記トランザクションがユーザ口座を更新し、その口座が前記ユーザ装置でアクセスできる、請求項1に記載の方法。

【請求項13】 ユーザに関連付ける遺伝子項目を格納するメモリと、前記遺伝子項目へのネットワークアクセスが前記ユーザとの安全なトランザクションを可能にするプロセッサとを備えているセキュアネットワーククライアント装置。

【請求項14】 遺伝学ベース条件を必要とするユーザの予測可能値が遺伝子項目から決定可能であり、前記トランザクションのパラメータが前記予測可能値に依存している、請求項13に記載の装置。

【請求項15】 前記遺伝子項目がユーザ承認を含み、効果的に個人参照シーケンスをスクリーニングする、請求項13に記載の装置。

【請求項16】 前記遺伝子項目が前記ユーザに関連付けた遺伝子配列の改訂されたサブセットを含んでいる、請求項13に記載の装置。

【請求項17】 前記プロセッサが複数のネットワークサービスとのトランザクションを提供するアクセスを可能にする、請求項13に記載の装置。

整理番号＝

提出日 平成12年12月22日  
特願2000-336405 頁： 3/ 20

【請求項18】 前記プロセッサが複数のネットワークトランザクション間の区別指示を決定する、請求項17に記載の装置。

【請求項19】 ユーザ識別と、

遺伝子配列のサブセットマスクとを備え、  
それにより前記遺伝子配列のサブセットマスクを使用してユーザ参照シケンスが安全に処理可能である、生体情報トランザクションのデータ構造。

【請求項20】 前記ユーザ識別と前記遺伝子配列のサブセットマスクが、  
拡散スペクトル方式に従ってディジタルで符号化できる、請求項19のデータ構造。

#### 【発明の詳細な説明】

##### 【0001】

##### 【発明の属する技術分野】

この記載は一般に生体情報科学、特に遺伝子関係のユーザデータを使用するネットワークコンピュータトランザクションに関する。

##### 【0002】

##### 【従来の技術】

生体情報科学とは、生物学とコンピュータ科学を結合した新しい分野を指す。この成長しつつある学際的分野では、遺伝学及び薬学に関連する各種技術をコンピュータ、ソフトウェア、データベース、ネットワーク、およびその他のディジタル処理技術と組み合わせることができる。遺伝子配列データベースと分析ツールが、インターネットおよび他の分散コンピュータシステムを介してますます広く利用され、特定の将来有望な領域の薬物発見、特に同定、選別、並びにターゲット遺伝子および蛋白質の構造と機能の予測を自動化している。

##### 【0003】

##### 【発明が解決しようとする課題】

しかし現在の生体情報システムとプロセスは、高度にデータ集約的であり、時には数十億の個人遺伝子データを処理し、その多くが本質的には秘密的である。したがって、膨大な生体情報データおよびそれに関するすべて機密トランザクションを管理する改良した方法の要求が存在する。

## 【0004】

## 【課題を解決するための手段】

ここで説明する方法と装置は、安全な生体情報ベースのトランザクションを可能とし、任意の遺伝子プロファイルに従ってオンラインサービスを提供する。例えば、ネットワークメッセージは、保険契約、販売促進提案、または他の個人的サービスに関係し、機密のユーザプロファイルから決まる医学的又は遺伝学ベースのリスクを動的に考慮する。個人リスクプロファイルの生体情報分類は、参照遺伝子配列または関係構造の有効ユーザサブセットをフィルタリングする論理マスク方法を使用して認可される。

## 【0005】

任意に、時間的または管轄的に特定した無区分ルール毎に、保険統計、遺伝学および／または遺伝を使用してユーザリスクプロファイルを計算する。トランザクション項目はプロファイルリスクの増減に応じて動的に修正可能である。安全なネットワークサーバは携帯型ユーザ装置によるリモートアクセスとトランザクションのためにデータを処理し、符号化し、格納する。

## 【0006】

## 【発明の実施の形態】

図1aは代表的な電気信号および／またはパケット、セル、フレームまたはその他のデータフォーマットスイッチング、ブリッジング、ルーティング、および／またはディジタルネットワークまたは関係するディジタルシステムアーキテクチャ2を示しており、1つまたは複数の相互接続可能または接続された通常または所有、有線および／または無線、電気的および／または光学的、地上および／または衛星、ローカルエリアネットワーク（LAN）および／またはワイドエリアネットワーク（WAN）、またはその他のネットワーク通信インフラ設備、エレクトロニクス、ソフトウェアおよび／または関連する固定または再構成可能な機能を使用して実施できる。ネットワーク2の機能は一般に、ローカルおよび／またはリモート電気信号、ファイル、またはその他のデータアクセス、転送、格納、またはネットワークアクセス可能なコンピュータ、プロセッサ、サーバ、機器、または他のアドレス指定可能なノード間のその他の適用可能な通信を可能に

することである。

### 【0007】

図示するように、ネットワーク2の機能は、メンバー規約、方針、または規則のデータベースまたはその他の格納装置5にアクセスする、保険またはその他のサービス会社のサーバまたはコンピュータ装置4；従業員、規則、または適用基準データベースまたはその他の格納装置7にアクセスする、雇用者またはその他の会社サーバまたはコンピュータ装置6；規則、区別基準、区分化と探索法を対応付ける推奨シーケンス、ゲノムシーケンス、または限定した等級データベースまたは他の格納装置9にアクセスする、公共または他の政府サーバまたはコンピュータ装置8；個人参照シーケンスまたはプロファイル、特殊サービス、または規則データベースまたはその他の格納装置11にアクセスする、プライベートまたはその他のセキュアサーバまたはコンピュータ装置10；個人参照シーケンスまたはプロファイル、トランザクションアカウント記録、規則、特殊サービス、またはセンサー情報データベースまたはその他の格納装置13にアクセスする、ユーザまたはその他のクライアントサーバまたはコンピュータ装置12；個人参照シーケンスまたはプロファイル、実験室試験シーケンス結果、または規則データベースまたはその他の格納装置15にアクセスする、研究所またはその他の試験施設サーバまたはコンピュータ装置14；分析ソフトウェア、特殊アプリケーション、またはシミュレーションプログラムおよびモデルデータベースまたはその他の格納装置17にアクセスする、ツールまたはその他の自動化アプリケーションサーバまたはコンピュータ装置16などのノードを相互接続することである。

### 【0008】

各コンピュータサーバ設備4、6、8、12、14、16は単独または協同処理機能を実行し、測定できるネットワーク資源を介して効率的にコンピュータ負荷とデータ格納を分散する。

### 【0009】

好ましくは、各サーバは、Windows、Fortran、Unix、Linux、C/C++、perl、corba、Cgi等の1つまたは複数の従来

整理番号=

提出日 平成12年1月22日  
特願2000-336405 頁: 6/20

のオペレーティングシステム及びプログラム言語及びユーティリティを実行し；同種または異種データフォーマットとアクセスを可能にする1つまたは複数のオブジェクト志向またはリレーションナルデータベース管理システム、例えば、SQLフォーマットを実行し；見かけ上シームレスなファイル転送とアクセスを可能にするネットワーク通信インターフェース管理ユーティリティ、例えば、ファイル転送プロトコル、電子メール、Webブラウザおよびオンライントランザクションと商用アクセスのためのいわゆるhtml/xml/Javaおよびその他のメディアフォーマット、を実行する、ように構成されている。

#### 【0010】

一般に、現在の自動化トランザクション処理および／またはシステムに従う好みのセキュアネットワーク構成では、1人または複数人または固有の生体情報値、遺伝子項目、DNA（デオキシリボ核酸）配列、折り重ね構造、またはそのサブセット、または1人または複数ユーザ、希望者、クライアント、またはその他の指定された個人に関連付けられている、その他の生物学的、遺伝性質的、または遺伝学的識別可能または分類可能データ、または関連付けされたものが、決定、提供、アクセス、発生、計算、処理されるかまたはその他の方法で得られる。

#### 【0011】

好みの生体情報値または遺伝子項目は、ディジタルまたは英数字データ構造としてアクセス、提供または作成されており、それには1つまたは複数ユーザ識別フィールド、および遺伝子配列サブセット、マスク、スクリーン、またはフィルタフィールドを含み、効率的にユーザ参照シーケンスが認定されたトランザクションに対し安全に処理でき、シーケンスサブセットまたは遺伝マスクを使用して、関係ユーザを許可または評価するようになるのが望ましい。識別名は部分的または完全なユーザの社会的セキュリティ番号または他の固有、ランダム、または署名コードを含むことができる。

#### 【0012】

さらに、このデータ構造は、ユーザ認定トランザクションベースに依存してアプリケーション特有のトランザクション管理およびペイロードフィールドを含む

。任意に、データ構造は代表的電子信号形式でデジタル化でき、拡散スペクトルまたはその他の時間／周波数／コード分割多重アクセス（T／F／CDMA）方式のような1つまたは複数の安全な信号またはデータ変調方式に従って、符号化、圧縮、伝送、格納、受信または復号化できる。

#### 【0013】

この符号化／復号化方法では、生体情報データ、個人遺伝子配列、またはそのサブセットには、秘密データが一般に公開されるリスクを減少したネットワークデータベースから選択的にアクセスして通信でき、この場合は特に、その文書が必要に応じて本明細書に参考文献として組み込まれる、すべての適用可能な公開されている産業標準変調仕様に規定されている、拡散スペクトル通信と信号化技術に対しランダム化キーコードおよび周波数ホッピング法を使用する。したがって、符号化された信号のユーザ秘密遺伝データの、サーバ間でのネットワーク2を介する传送は、一般への公開リスクを減少する状態で達成される。

#### 【0014】

さらに、一般に好ましい生体情報トランザクション方式によれば、トランザクション、通信、操作、交渉、勧誘またはユーザに関するかまたは関係付けされたその他の自動化サービス対話が、1つまたは複数の生体情報値、特に、ユーザリスク分析またはそれからの決定される条件に従うか、依存して、起動、トリガー、変更、カスタマイズ、配信、認定、終了されるか、または対応して導入される。

#### 【0015】

好ましくは、生体情報値は、指示、性質、確率、見込み、可能性、もろさ、傾向、リスク、確実性、または遺伝学ベースまたは関係条件、例えば、1つまたは複数の医学的、遺伝的、精神的、感情的疾病またはその他の条件、を有するかまたは発展させる特定または指定されたユーザの他の決定性または統計的計量、を表すか、または決定または生成して処理できる。これは、1つまたは複数の指定されたルールセット、データベース、マッピング基準、承認テーブル、または特定条件とその組み合わせまたはその条件の発生確率に対して所定の生体情報値を与えられた論理的、構造的または機能的リンクその他の適用可能な探索法ま

整理番号＝

提出日 平成12年12月22日  
特願2000-336405 頁： 8/ 20

たアルゴリズムに従って、認識、指示、公開または推測される。

【0016】

このように、本方式の1つまたは複数の態様によれば、生体情報ベーストランザクションは、リモートで、安全におよび／または自動的に供給され、1つまたは複数の保険またはその他の責任保険またはリスクサービス、または販売促進提案、マルチメディアオーディオ／ビジュアルメッセージ、競合入札、またはその他の電気通信を有する1人または複数のユーザの対応が提供または可能になる。これにより、1つまたは複数の遺伝学ベースまたはリンクされた条件またはそれに関係する個人的影響の発生または非発生を取扱いまたは予測する。例えば、オンライン方式では、競合保険会社は、通常の生体情報値および同一または異なる保険統計値表またはリクス公式に従って、ユーザに対し別々の料率入札を提出する。

【0017】

特に、本明細書で使用される生体情報または遺伝子項目は、特別に参照可能な個人的に識別可能なデータ構造、英数字またはテキスト列、電気信号、またはここで説明するユーザの分類または処理に対するその他の表示ディジタル情報、好ましくは自発的に、許可された、ユーザ承認のマスク、スクリーン、フィルタ、またはその他の論理基準であって、さらに完全な、参照用のまたは一般化した、ユーザまたは他の参照要素に関連付けられた遺伝子配列の1つまたは複数サブセットシーケンス部分を効率的に定義、承認、識別または作成する。

【0018】

このように、例えば、遺伝学ベース条件または疾病を契約するかまたはする可能性のあるユーザの決定または予測値は、生体情報または遺伝子項目から決定できる。したがって、自動化された関係では、適用可能なユーザトランザクションに対する1つまたは複数のパラメータ、項目、条件、またはその他の特定の分類は、このような生体情報的、遺伝的または予測精度値に直接または間接に依存する。

【0019】

単純な実施形態では、ユーザ提供の生体情報データによる予測方法は、INS

整理番号＝

提出日 平成12年1月22日  
特願2000-336405 頁： 9/ 20

COサーバ4で実行される評価用ソフトウェアで遂行される。このサーバでは最初に認定ユーザシーケンスセグメントとして、一般にCGAT等のような認定可能なコードを含む遺伝子項目を認定する。好ましくは、ユーザセグメントは、特定シーケンス位置に関連付けられた前もって指定されたセグメントに一致するよう提供され、遺伝学ベース条件の指定された等級を評価する。この時このソフトウェアはさらに、容認した標準ゲノムマップに応じて、1つまたは複数のユーザセグメントを、遺伝参照シーケンスの全体または部分に配列する。

#### 【0020】

この配列処理において、ユーザ遺伝子項目を既知のシーケンスと関連条件と比較して、サーバソフトウェアは、部分的であってもトランザクション当事者の生体情報プロファイルを固有に示す実際の個人遺伝子データを評価できる。一方ユーザはその他の申出のない、トランザクション認定に対しおそらくさらに機密または需要でない、部外者調査からのシーケンスセグメントを効果的にマスクまたはスクリーニングする。

#### 【0021】

その後、このソフトウェアは比較、マッピング、分析またはその他の評価結果を作成して、このユーザセグメント公開が、1つまたは複数の予め決められたルールまたは探索法に従って、特定シーケンス項目またはそのグループに一致することで示される、特定の遺伝学ベース条件を有するかまたは発展させる可能性またはリスクを示すかまたは示唆する方法を表す。

#### 【0022】

1つまたは複数の探索法またはルールは、1つまたは複数の保険統計またはリスクテーブルに類似のものを提供でき、1つまたは複数の高レベルプログラムまたはスプレッドシート言語、例えば、C/C++または他のデータベース管理文法、を伴なう計算モデル電気的形式で伝送できる。さらに、この探索法またはルールは数値的または統計的指示またはグループ化を提供して、個人特性、例えば、年齢、性別、喫煙状態、結婚の有無、以前の医学的履歴等、に従って、1つまたは複数ユーザ志望者に対し、1つまたは複数のリスクプロファイル値を割当てまたは計算する。

## 【0023】

また、この探索法またはルールは適用可能なトランザクション評価ソフトウェアを、予め決めた遺伝マッピングテーブルまたは公式に従い、1人または複数ユーザ希望者に対し1つまたは複数のリスクプロファイル値に自動的に割当てまたは計算する。この場合特に、指定された位置、シーケンスセグメントまたはそれらの組合せで1つまたは複数の一致または不一致遺伝子の有無に従って、このようなリスクプロファイル値を決定する。この時この指定された位置、セグメント、またはそれらの組合せは、1つまたは複数の遺伝学ベース条件、医学的疾患または他の関係要素に従って、確実性、可能性、不可能性または他の予測値に対応かまたは指示する。

## 【0024】

したがって、ユーザはスクリーニング、マスキング、フィルタリングまたは他の安全な方法を利用して、特定の区別または同一遺伝要素、または個人シーケンスファイル、例えば、さらに完全な全体ゲノムまたは他の個人参照シーケンス定義、にサブセットとして関連するかまたはこのファイルに相当する機能構造を認識または指定できる。

## 【0025】

さらに、この生体情報データまたは遺伝子項目は、確立したまたは計算された統計的または保険統計テーブル、または特定ユーザまたはその組合せに関連付けられたその他のデータベースと遺伝的または遺伝性プロファイルを基本にする。生体情報値または遺伝子項目は、1つまたは複数のネットワークアクセス可能なサーバをよるかまたはそれを介して決定でき、その値または項目は、1つまたは複数のそれに関連付けたローカルまたはリモートデータベースに機密に格納される。

## 【0026】

生体情報または遺伝子項目を処理して1人または複数のユーザとトランザクションするのは、1つまたは複数の時間的または管轄グループ化またはカテゴリで割当てられ、区分されまたは提供される1つまたは複数のルールセットに従い、好みしくは同等に認定されまたは区分されるグループメンバー間で無差別ベース

または他の平等なしきい値または均等ベース基準で、リアルタイムで動的に実行される。特定の場合では、生体情報値処理は同一遺伝子項目を指示し、可能な不正なサンプルデータ、シーケンスクローンまたはツインマッチング、または報告され調査されるべきその他の警告状態の可能性を示唆する。

#### 【0027】

好みしくは、1つまたは複数の公共サーバ8は、容認できるまたは無区分サンプルのシーケンスセグメントまたはインデックス（いわゆるSNP）を含む最新のデータベース11を備え、例えば進行中、高信頼性、高品質医学的および科学的遺伝調査から得られるユーザ生体情報スクリーニング値を定義する。したがって、この組織化されたスクリーニング方法で、各種オンライントランザクションとその他のサービス提供者は、ここで述べる潜在的顧客とサービス希望者のさらに予想可能な分析と評価を実行する。

#### 【0028】

例えば、1人または複数のユーザまたはトランザクションサーバは、潜在的な区分妨害、または多数のユーザ希望者に対し平等にプロファイルされた生体情報を比較するその他の代表信号表示またはレポートを作成して、所定のトランザクション提供を行う。しかし、1人または複数のユーザ希望者は、他のユーザ希望者より実質的に有利なトランザクション項目または保険料率を提供される。特にこのような有利-不利希望者間の遺伝学ベース差異は、特定のルールセットまたは探索法、例えば人種または民族特性に従う非承認分類において実質的に大きくなる。

#### 【0029】

任意に、トランザクション処理ルールセットまたは探索法により1つまたは複数のシーケンスセグメントを設計して、トランザクションリスク分析の問題点を阻止または無視できる、またこのような制限された分析の検出はここに述べる区分指示を引起す。

#### 【0030】

任意に、1人または複数のユーザに関連付けられた多数の生体情報値および/または遺伝子項目の1つまたは複数のセットを、決定、変更、結合、階層化、ラ

ンク分けまたはそれにより作成できる。したがって、以前または最初の生体情報値に従う特定ユーザとの現在または以前のトランザクションは、例えば新しく提供される生体情報値が特定の遺伝学ベース条件を持ち、成長している所定ユーザの可能性またはリスクの増減を示す場合は、対応して修正できる。

#### 【0031】

同一またはほぼ同一の生体情報値または遺伝子項目を複数ユーザに決定したまは関連付ける場合、各ユーザに適用可能な対応するトランザクションまたは他の操作が機密に発生し、好ましくは、効率的に無区分ベースで各ユーザ生体情報値または遺伝子項目に従って別々に処理される。

#### 【0032】

好ましくは、特定ユーザまたはそのグループに関連付けられたネットワーククライアントまたは装置は、ネットワーク2に対し処理または結合でき、それと対話式アクセスおよびトランザクションできる。例えば、生体情報値または遺伝子項目は、埋込みまたは携帯ユーザ装置により、安全な認証プロセスで1つまたは複数のトランザクション操作に対し作成される。任意に、ユーザ装置内に備えるか、またはアクセスできるユーザ口座または保管庫を更新して、請求料金、合計、回数、品質、または特定または各ユーザトランザクションまたは関係するネットワーク活動に関するその他の要素またはトランザクションクレジットを識別、計算または記録する。

#### 【0033】

一般に本明細書では、ユーザサーバまたは装置モジュール12は、格納と処理機能を備える、各種ネットワークにアクセス可能またはスタンドアロンのパーソナルコンピュータ、エンジニアリングワークステーション、携帯用情報端末、プロセッサ、マイクロプロセッサ、サーバ、ネットワーク機器、またはその他のアドレス指定可能なノード、で実行できることを意図している。

#### 【0034】

好ましくはユーザ装置12は、1つまたは複数ユーザに関連付けされた生体情報と遺伝子項目を格納する1つまたは複数のメモリ回路またはデータベースソフトウェア構造13、およびネットワーク2を介して格納された値と項目へのアク

セスを安全に制御するマイクロプロセッサを含む。マイクロプロセッサは、サーバ4、6、8、10、12、14、16間の安全なアクセスとトランザクションを可能にする。特にマイクロプロセッサは、フラグ、監視、警報、またはその他の信号特定トランザクション条件、例えば、安全対策されていないアクセス、複数ユーザトランザクション、同一生体情報血条件、ルール違反のトランザクション区別等を決定できる。

#### 【0035】

図1Bのフローチャートは、ネットワーク2の動作ステップを示し、生体情報トランザクションを自動化し、それによりユーザ解除の遺伝子プロファイルまたはサブセットを使用して、オンライン対話型ディジタルサービスまたはその他の電子メッセージが安全に保護される。

#### 【0036】

最初にネットワーク2は、20で環境設定され、各種アドレス可能コンピュータノード4、6、8、10、12、14、16に接続されており、関連付けされた異種または同種データベース6、7、9、11、13、15、17を含んで、適正なクライアントサーバまたはピアツーピア通信、制御およびファイル転送関係を実行する。好ましくは、そこに接続された各サーバ4、6、8、10、12、14、16は、安全認証および適正な協同またはファイルアクセスレベルをチェックされる。増加するネットワークトランザクション量をサポートおよび規模拡大することが必要な場合は、追加サーバとデータベースが接続でき、また1つまたは複数の可能または認定されたトランザクショングループに対してユーザまたはサービス提供者として登録できる。

#### 【0037】

次に、1つまたは複数のクライアントまたはユーザ12ノードを、ネットワーク構成、および1つまたは複数のトランザクションカテゴリまたはアクセスグループに対する加入に対し同様にセットアップ21できる。ユーザ装置とソフトウェアテストは、現行の校正をリモートで実行できる。好ましくは1つまたは複数のネットワークサーバはトランザクション管理制御と全体サービスを備えて、トランザクション提供者とそこに接続された各種活動中または可能性のあるユーザ

装置間のメッセージ伝達を調整する。

#### 【0038】

次に、1つまたは複数のデータベース5、7、9、11、13、15、17を認識、初期化、更新、または1つまたは複数の認証ネットワークトランザクションカテゴリまたはアクセスグループに対し、一部分、現行またはその可能性を有するものとして、定義22できる。同様に、探索法またはその他のルールセットを認識、初期化、更新、または1つまたは複数のこのようなデータベース内で定義して、ネットワークアクセスできる。

#### 【0039】

好みしくは、すべての適応可能な生体情報または遺伝子工学関係データベース、探査法、またはルールフォーマット、仕様、およびインターフェースまたはアクセス要件、例えば電子データ、信号、ファイルまたはネットワーク転送と通信に関連して使用する際に、1つまたは複数の確立されたまたは産業界で採用されている標準または文法、およびそれらの従来の延長を、本明細書に引用する。

#### 【0040】

1つまたは複数のソフトウェアプログラム、特定用途プログラム、自動化ツール、またはトランザクションコードを、1つまたは複数の認証ネットワークトランザクションカテゴリまたはアクセスグループに対し、現行またはその可能性で、一部分として、認識、初期化、更新または定義23する。

#### 【0041】

1つまたは複数のトランザクションまたはその他の操作メッセージは、クライアントまたはユーザサーバ、およびそれにアクセス可能な1つまたは複数のサーバ間を、ネットワーク2を介して伝送または起動24される。例えば、代表的な初期メッセージはネットワークブライザまたは他のアプリケーション画面を通して提供され、案内、広告、催促、警告を提供されるかまたは医療または健康保険契約、特定製品の市場販売促進提案、またはその他の個人サービス通信関係を提供される。

#### 【0042】

生体情報ベーストランザクションモデルの1つの態様によれば、ユーザプロフ

アイルまたは遺伝リスクマッピング25では、医学的またはその他の遺伝学ベース公開を、例えば機密ユーザデータまたは申し出のあったシーケンスサブセットを、特定の保険統計テーブルと比較して動的に決定または分析する、遺伝形質バックグランドと傾向、トランザクション前承認ルールセットを、遺伝子配列またはその他の探索法分析ツールの有無に対応して1つまたは複数のユーザリスク決定に割当てて、1つまたは複数の遺伝学ベース条件を有するかまたはその傾向のあるユーザ可能性を予測または計算する。

#### 【0043】

特に、個人リスクプロファイルの生体情報分類は、論理マスキングまたはスクリーニング方法を使用して安全確実に認証され、参照遺伝子配列または関係構造のユーザサブセットを、比較的効率的に、機密ユーザ遺伝子配列データの内容の全体または大部分を識別、伝送または格納する必要なく、効果的にフィルタリングする。

#### 【0044】

選択的なセグメント表示は、好ましくは、トランザクション評価と関係個人リスクに関連付けられた個人遺伝子配列位置に対してだけ、ユーザにより故意に公開を制限する。この場合特に、確率された調査データが特定のサブセグメントシーケンス、および特定の医学的または疾病条件の発生またはその可能性との間の高い相関を確認し、機密生体情報データの公開、およびこのようなデータを伝送、格納および分析する一般データサイズを大幅に減少する、したがってさらに完全な個人遺伝子配列またはゲノムは公開または処理されない。

#### 【0045】

したがって、ユーザプロファイルマッピング25では、セキュアネットワークトランザクションシステムは、例えば遺伝学ベースユーザの医学的またはそれから決定されるその他のリスクに従って、ユーザ認証遺伝子項目または生体情報プロファイル、対応するオンライントランザクション26またはその他のトランザクション作業を達成する。

#### 【0046】

さらに図示するように、特定の保管会社のトランザクションサーバ4が、生体

情報値を提供し、認証する特定ユーザ希望者に対し判定することは、0-5%の可能性またはリスクプロファイルの参照ゲノム結果の選択されたシーケンスマスキングから決定される際に、この志望保険人が、所定の5年間の保険契約期間内とカリフォルニア管轄住所内で重大な健康条件または疾病（心臓問題のような）を明らかにされること、さらに希望者の遺伝形質とその他の非遺伝子プロファイル（例えば、禁煙、家族にガン患者がいない）が著しく計算リスクに影響を与えないことを判定することである。

【0047】

有利な点は、保険会社は希望者リスクプロファイルのさらに正確な決定を得られる一方で、有利な生体情報値提案により、希望者は同様に低い保険契約料を得る可能性がある。

【0048】

ユーザトランザクションおよび／または対応するサービスは、遺伝学ベースリスクの増減を示す生体情報データに従って変更<sup>27</sup>される。各種携帯型ユーザ装置を使用するリモートアクセスおよびトランザクションに対し、データは1つまたは複数のネットワークサーバにより安全に処理、変更および格納される。保険契約、販売促進提案またはその他のサービスは、ほぼリアルタイムで動的に対処し、遺伝学ベース条件を基に変更される。

【0049】

現在のトランザクションまたはサービスが完了<sup>27</sup>すると、新しいメッセージ操作<sup>24</sup>を再スタート<sup>28</sup>し、新しいまたは改訂されたトランザクション要件に適応できる。各種トランザクションアプリケーションは、トランザクションサーバとユーザ間の1つまたは複数の関係メッセージ伝達または信号化を継続して、適切に特定トランザクションを遂行する。

【0050】

さらにユーザプロファイルマッピング<sup>25</sup>を終了後、ユーザセットアップとテスト<sup>21</sup>を再スタート<sup>29</sup>し、新しいまたは改訂されたユーザまたはクライアントネットワーク協同に適応できる。したがって、現在の遺伝学ベーストランザクション方法は、動的にユーザの要求、変更、信号に対応して、進行状態を継続で

きる。

### 【0051】

本明細書に述べるように、遺伝データはユーザ遺伝子配列のサブセットをフィルタリングする個人マスクによってユーザを分類し、リスクプロファイルは保険統計、遺伝学および／または遺伝形質に従って計算される、この場合、時間的または管轄グループに対して無区分ルールを使用するのが望ましい。時間的グループは、年齢、関連した時／日／週／月／年等に従う。管轄グループは住所／地域／市／州／国等に従う。

### 【0052】

図1cは、ユーザモジュール30の好ましい機能構成を示しており、これに含まれるのは、リモート信号化とデータアクセスに対しユーザモジュールをネットワーク2に接続するネットワーク通信インターフェース31と；ディジタル命令、信号、データを計算して格納するプロセッサと格納32と；データベース13に対する読み出し、書き込み、変更、消去アクセスを制御し管理するデータベース管理33と；1つまたは複数の生物統計または生体情報値、またはユーザに関連付けされた条件を電気的に検出する1つまたは複数のユーザ混合信号センサ34と；テキスト、署名、音声、網膜、指紋、その他識別可能対象入力を介して正しいユーザを認証する安全識別チェック35と；トランザクションメッセージをユーザに伝達するビジュアルおよび／またはオーディオ表示画面／スピーカメディア出力インターフェース36と；それらと通信するために、ユーザビデオおよび／またはサウンド入力を監視するユーザモニター入力37と；それらと通信または信号化するために、ユーザモジュール30を他の特定または一般ディジタルまたはアナログ装置に接続するアプリケーション周辺および関係インターフェースまたはバスまたは信号化構造38とである。ここで、ユーザ装置はより簡略化されてもよく、格納と安全生体情報データアクセスを扱う処理機能だけを含んでいればよいことが、意図される。

### 【0053】

本明細書で述べるように、ユーザモジュール12、30は、任意の携帯型ネットワークアクセス可能装置で実現されるのが望ましく、このアクセス可能装置は

ユーザ生体情報データを格納し、格納したデータへのネットワークアクセスを制御する。

【0054】

図2はサンプルの生体情報データ構造を示しており、参照シーケンス40（部分）、マスクサブセット42およびそれらに配列されるインデックスフラグ44、および分類オブジェクト46を含む。任意に、フラグ44は1つまたは複数のいわゆる信号ヌクレオチド多形（S N P）に対応し、それにより病気または特定の疾病またはその組合せに対する関連、マーク、リンク、マップまたはユーザ傾向を示す。

【0055】

特に、マスク42で表されるデータ構造、またはそれらの代表的または機能的表示は、ユーザによって提供または解除され、ネットワークトランザクション活動を認証または許可するのが望ましく、また1つまたは複数の生体情報値または遺伝子項目を指定でき、ユーザリスク分類または他の遺伝ベースグループを、固有に参照または個人的に識別できる。

【0056】

さらに安全な方法では、遺伝学ベース条件または疾病を契約するかまたはする可能性のあるユーザの予測値は、生体情報値または遺伝子項目から決定される。したがって、ネットワークコンピュータ関係では、適用可能なユーザトランザクションに対する1つまたは複数パラメータ、項目、条件または他の特定化された分類は、このような生体情報、遺伝子または電気的にそれらにアクセス可能な予測可能値に、直接または間接的に依存する。

【0057】

ここで、マスク42および／またはインデックス44は、効果的に単純化した（例えば公開を有効、または阻止を無効）スクリーニング、フィルタリングまたはその他の方法を、サブセットとして関係するかまたは個人シーケンスファイル、例えばさらに完全な一般人ゲノムまたはその他の個人参考シーケンス条件に相当する特定の異なるかまたは同一遺伝要素または機能構造を認識または識別できるようにする。

【0058】

好ましい実施形態では、1つまたは複数ユーザまたはその他の参照人の遺伝子配列またはゲノムセットが、ネットワーク2を介する1つまたは複数データベース内に比較的大きい逐次式ファイルとして予め決められ、格納されていると考える。しかし、本発明はの1つまたは複数の態様によれば、ユーザは従来の遺伝子配列法を使用して、例えば髪の毛、血液等の生物学的物質をテストでき、個人遺伝子配列またはそれの選択したセグメントを得ることができる。

【0059】

例えば、将来の健康リスクを考慮する保険会社用医療画面セグメント、将来の管理機能を考慮する雇用者用の医療外の画面セグメント等の適応可能トランザクションサーバアプリケーションに依存して、ユーザ公開生体情報データまたは関係生体情報値を選択的に表示または認証できる。研究サーバ14のデータベース15からの正しい認証を用いて、完全シーケンスまたは部分的にマスクして、機密の研究データを格納またはアクセスできる。

【0060】

本明細書に述べるように、このような個人シーケンスの1つまたは複数の選択された部分は、論理画面またはアクセスキーとして機密ベースで定義および解除し、部外者トランザクションの精密な検査から遺伝子配列データを公開または阻止する。この制限される公開は、適正にトランザクション関係者がトランザクション項目（保険契約料を特定する個人の医学的リスク）を定義または変更できる。

【0061】

本発明の前述の実施形態は図面と説明書で提供されている。それらは、説明した明確な形態に本発明を限定するものでない。特に、出願人は本明細書に述べる発明の機能の具体化は、ハードウェア、ソフトウェア、ファームウェアおよび/またはその他の利用できる機能コンポーネントまたは構成要素により同一に実現できると考える。その他の変更と実施形態は前記内容に照らして可能であり、したがって本発明の範囲はこの詳細な説明により限定されず、特許請求範囲によるものとする。

整理番号 =

提出日 平成12年12月22日  
特願2000-336405 頁： 20/ 20

【図面の簡単な説明】

【図1 a】

本発明を実施するシステムネットワーク図である。

【図1 b】

本発明の1つまたは複数の態様を実施するステップのフローチャートである。

【図1 c】

本発明の1つまたは複数の態様を実施するユーザモジュールの機能ブロック図である。

【図2】

本発明の1つまたは複数の態様によるデータ構造を示す図である。

【書類名】 図面

【図1a】

1/4

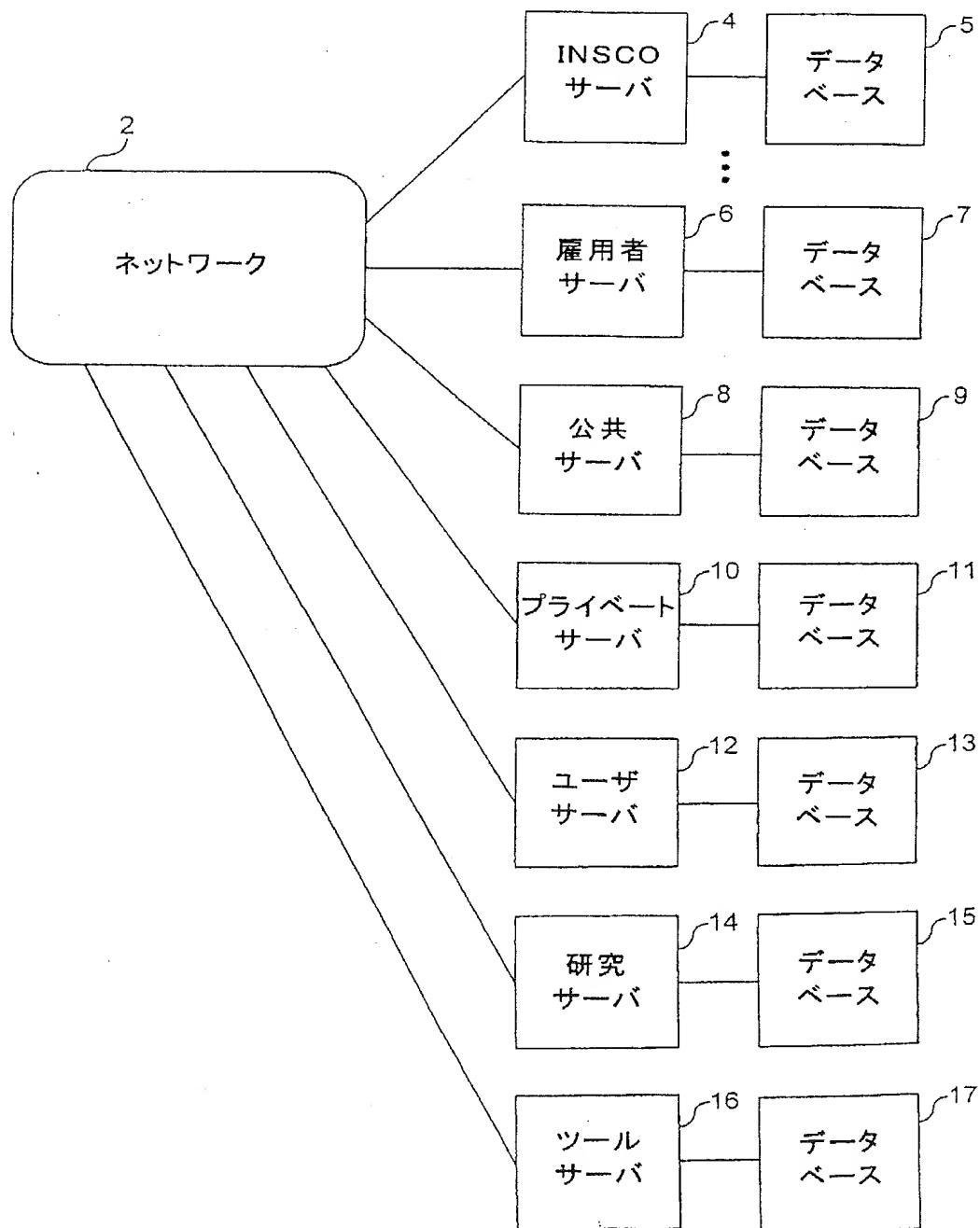


図1A

【図1 b】

2/4

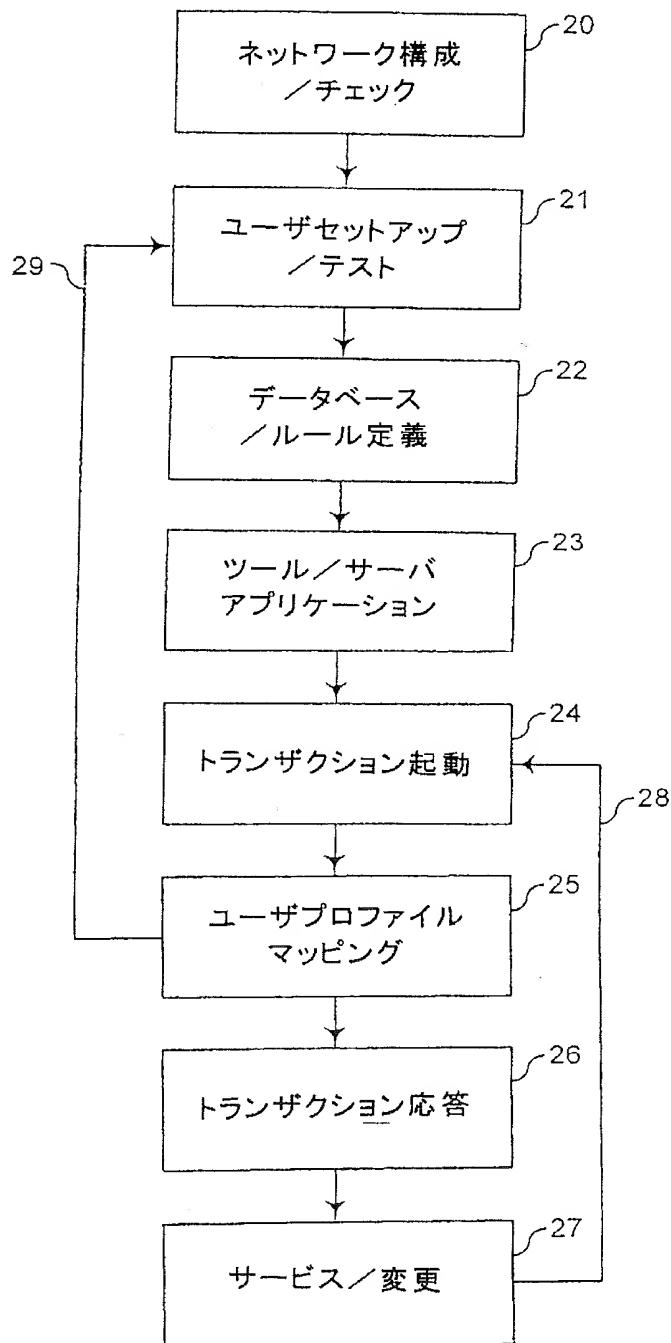


図1B

【図1c】

3/4

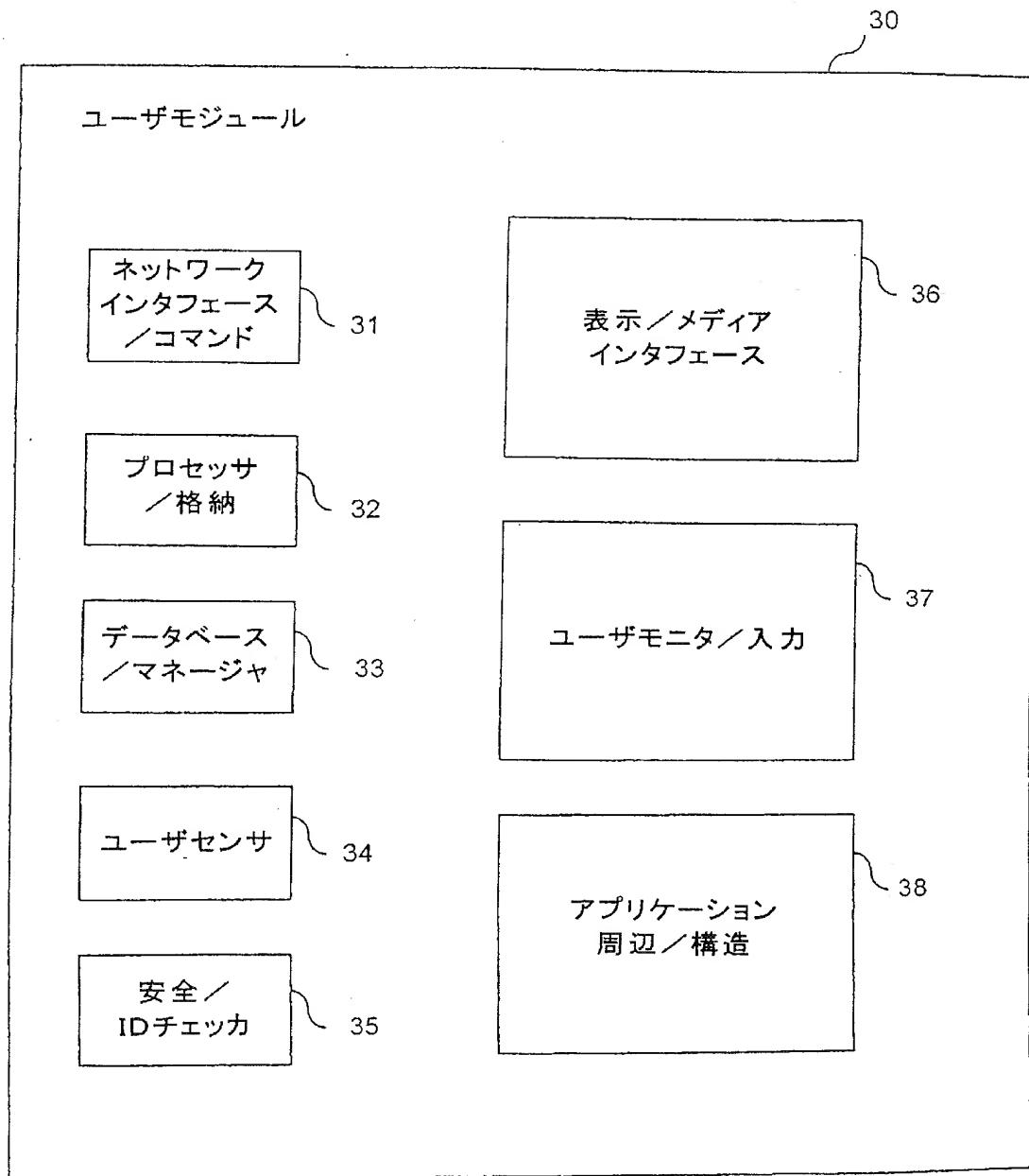


図1C

【図2】

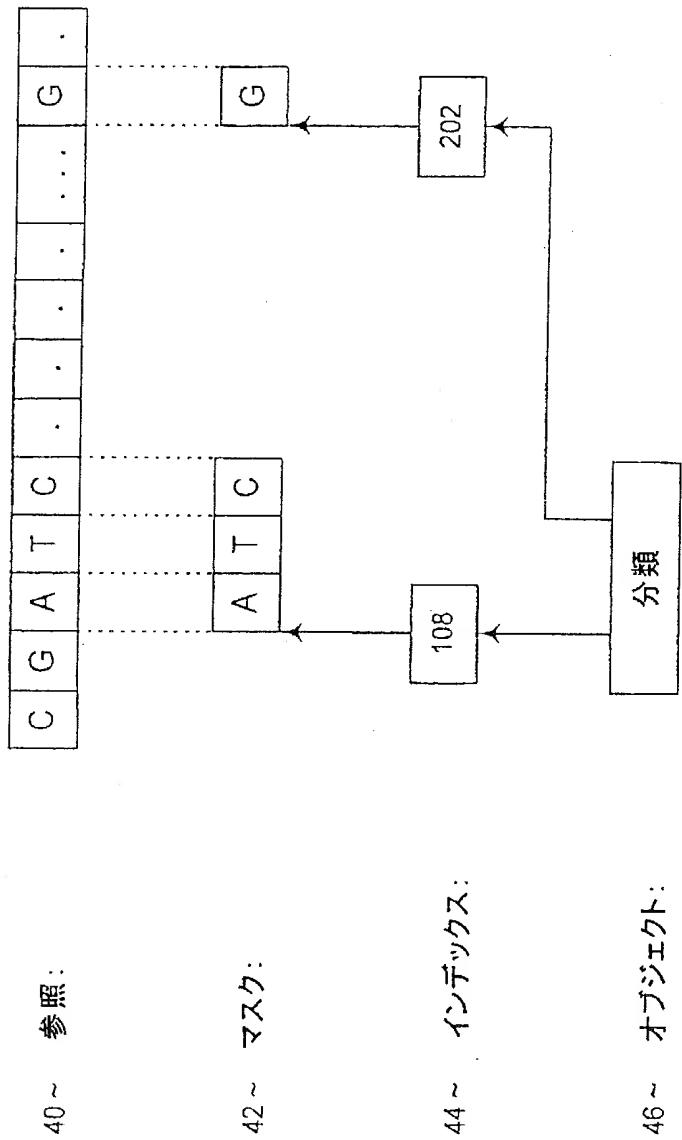


図2

整理番号＝

提出日 平成12年12月22日  
特願2000-336405 頁： 1/ 1

【書類名】 要約書

【要約】 セキュアネットワークトランザクションシステムは、ユーザ許可遺伝子項目または生体情報プロファイルを取得し、遺伝学ベースのユーザ医療またはそれから決まるリスクに従ってオンラインサービスを実行する。保険契約、販売促進提案、または他のサービスは遺伝学ベース条件に動的に取り込みできる。生体情報データは、個人マスクでユーザを分類し、ユーザ遺伝子配列のサブセットにフィルタリングする。時間的または管轄グループにおけるユーザに特定した無区分方法を使用して保険統計、遺伝学および／または遺伝形質に従ってリスクプロファイルを計算する。ユーザトランザクションは、遺伝学ベースのリスクの増加または減少は、生体情報データに従って変更可能である。データは安全に処理、変調、格納されて、各種携帯型ユーザ装置を使用するリモートアクセスおよびトランザクションに備える。

【選択図】 図1

## BIOINFORMATIC TRANSACTION SCHEME

### Field

This discussion relates generally to bioinformatics, particularly to networked computer transactions using gene-related user data.

### Background

Bioinformatics refers to an emerging discipline which combines biology and computer science. In this growing interdisciplinary field, various techniques associated with genetics and pharmaceuticals may be combined with computers, software, databases, networks, and other digital processing technologies. Increasingly genesequence databases and analysis tools are available widely through the Internet and other distributed computerized systems to automate certain promising areas of drug discovery, particularly identification, screening, and prediction of target gene and protein structure and function.

Present bioinformatics systems and processes, however, are highly data intensive, sometimes processing billions of pieces of personal genetic data, much of which may be very confidential in nature. Accordingly, there is need for improved scheme to manage voluminous bioinformatics data, as well as any sensitive transactions related thereto.

### Summary

The method and device here described enables secure bioinformatic-based transaction, whereupon on-line service is provided according to voluntary genetic profile. For example, network message pertains to insurance policy, promotional offer, or other personalized service, dynamically considering medical or other genetic-based risk determined from confidential user profile. Bioinformatic classification of personal risk profile is authorized using logical masking procedure to filter effective user subset of reference gene sequence or related structure.

Optionally, user risk profile is calculated using actuarial statistics, genetics and/or heredity per non-discriminatory rules specified temporally or jurisdictionally. Transaction terms are modifiable dynamically in response to profile risk increase or decrease. Secure network server processes, encodes, and stores data for remote access and transaction by portable user devices.

### Brief Description of Drawings

FIG. I a is a system network diagram for implementing present invention; FIG. 1b is a flow chart of steps for implementing one or more aspects of present invention; FIG. 1c is a functional block diagram of a user module for implementing one or more aspects of present invention. FIG. 2 is a diagram illustrating data structure according to one or more aspects of the present invention.

### Detailed Description of Preferred Embodiment

FIG. 1a diagram shows representative electronic signal and/or packet, cell, frame or other data format switching, bridging, routing, and/or digital network or related digital system architecture 2, which may be implemented using one or more interconnectable or  
5 coupled conventional or proprietary, wired and/or wireless, electronic and/or optical, terrestrial and/or satellite, local area network (LAN) and/or wide area network (WAN), or other network communications infrastructure equipment, electronics, software and/or related fixed or reconfigurable functionality. Network 2 serves generally for enabling local and/or remote electronic signal, file, or other data access, transfer, storage, or other  
10 applicable communications between network-accessible computers, processors, servers, appliances, or other addressable nodes.

As shown, network 2 may serve to interconnect nodes such as insurance or other service company server or compute device 4 having access to member terms, policy, or  
15 rule database or other storage repository 5; employer or other corporate server or compute device 6 having access to employee, rule, or application criteria database or other storage repository 7; public or other governmental server or compute device 8 having access to rule, discriminatory criteria, recommended sequence mapping segments and heuristics, genome sequence, or restricted classes database or other storage repository 9; private or  
20 other secure server or compute device 10 having access to personal reference sequence or profile, specialized services, or rule database or other storage repository 11; user or other client server or compute device 12 having access to personal reference sequence or

profile, transaction account records, rules, specialized services, or sensor information database or other storage repository 13; laboratory or other test facility server or compute device 14 having access to personal reference sequence or profile, lab test sequencing results, or rules database or other storage repository 15; and tool or other automated

5 applications server or compute device 16 having access to analysis software, specialized applications, or simulation programs and models database or other storage repository 17.

Each compute server facility 4, 6, 8, 10, 12, 14, 16 may operate independently or cooperative processing function effectively to distribute compute loading and data storage

10 across scalable network resources.

Preferably, each such server is configured to run one or more conventional operating systems and programming languages and utilities, such as Windows, fortran, Unix, Linux, C/C++, perl, corba, cgi, etc.; one or more object-oriented or relational

15 database management system to enable homogenous or heterogeneous data format and access, such as sql format; network communications interface management utility to enable apparently seamless file transfer and access, such as file transfer protocols, electronic mail, so-called htm/xml/java and othe media format for web browse and on-line transaction and commercial access.

20

Generally, in a secure network configuration preferably according to the present automated transaction process and/or system, one or more personal or unique

bioinformatic value, genetic term, DNA (deoxyribonucleic acid) sequence, folding structure, or subset thereof , or other biologically, hereditarily, or genetically identifiable or classifiable data associated with one or more user, participant, client, or other designated person or associated being is determined, provided, accessed, generated,  
5 calculated, processed, computed, or otherwise obtained.

Preferred bioinformatic value or genetic term is accessed, provided or generated as digital or alphanumeric data structure, including one or more user identifier field, and genetic sequence subset, mask, screen, or, filter field, effectively such that user reference  
10 sequence is processable securely for authorized transaction using sequence subset or genetic mask to qualify or otherwise evaluate participating user. Identifier may include partial or complete user social security number or other unique, random, or signature code.

15        Additionally, such data structure may include application-specific transaction control and payload fields, depening on user-authorized transaction basis. Optionally, data structure may be provided digitally in representative electronic signal form which may be encoded, compressed, transmitted, stored, received, and decoded, according to one or more secure signal or data modulation scheme, as spread spectrum, or other  
20 time/frequency/code-division multiple access (T/F/CDMA) scheme.

In this encoded/decoded manner, bioinformatic data, personal genetic sequences, or subsets thereof may be selectively accessed and communicated from network databases with reduced risk of publicly revealing confidential data, particularly by using randomized key coding and frequency-hopping scheme for spread spectrum

5 communications and signaling techniques, as specified in any applicable published industry-standard modulation specifications, which documents are hereby incorporated by reference as appropriate. Accordingly, user transmission of confidential bioinformatic data as encoded signals between servers through network 2 is accomplished with reduced risk of public exposure.

10

Further, generally in accordance with preferred bioinformatic transaction scheme, transaction, communication, operation, negotiation, solicitation, or other automated service interaction with, related to, or associated with the user is initiated, triggered, modified, consummated, delivered, authorized, terminated, or otherwise responsively

15 conducted according to, depending on, or upon condition of one or more of the bioinformatic values, particularly user risk analysis or condition determined therefrom.

Preferably, bioinformatic value represents, or may be processed to determine or otherwise generate indication, propensity, probability, likelihood, susceptibility, vulnerability, inclination, risk, certainty, or other deterministic or statistical metric of particular or identified user having or developing a genetically-based or related condition, such as one or more medical, genetic, mental, emotional disease or other condition, which

is known, indicated, published, or suspected according to one or more specified rule set, database, mapping criteria, approved table, or other applicable heuristic or algorithm for logically, structurally, or functionally linking given bioinformatic value to particular condition, set thereof, or probability of such condition(s) occurring.

5

Thus, in accordance with one or more aspects of the present scheme, bioinformatics-based transaction may serve remotely, securely and/or automatically to provide or enable provision of one or more users with one or more insurance or other liability policy or risk service, or promotional offer, multi-media audio/visual message, 10 competitive bid, or other electronic communication, to cover or otherwise contemplate the occurrence or non-occurrence of one or more genetically-based or linked condition or personal consequences related thereto. For example, in on-line auction fashion, competing insurance companies may offer separate rate bids to user according to common bioinformatic value, as well as same or different actuarial table or risk formula.

15

In particular, bioinformatic value or genetic term as used herein may refer to or mean uniquely referenceable or personally identifiable data structure, alphanumeric or text string, electronic signal, or other representative digital information for classifying or otherwise processing as described herein of the user, preferably according to volunteered, 20 permitted, or user-authorized mask, screen, filter, or other logical criteria effectively for defining, recognizing, identifying, or otherwise generating one or more subset or

sequence portion of a more complete, reference, or generalized genetic sequence associated with the user or other reference entity.

Hence, for example, deterministic or predictive value of user being subject or  
5 likely to contract genetically-based condition or disease is determinable from bioinformatic value or genetic term. Thus, in an automated relationship, one or more parameter, term, condition, or other of specified classification for applicable user transaction(s) depends directly or indirectly on such bioinformatic, genetic, or predictability value.

10

In a simplified embodiment, predictive approach according to user-provided bioinformatic data is accomplished in evaluative software executed by insco server 4 which initially qualifies genetic term as valid user sequence segment(s) that contains generally recognizable code such as CGAT etc. Preferably, user segments are provided  
15 to correspond with pre-specified segments associated with specific sequence locations for evaluating designated classes of genetic-based conditions. Then, such software further aligns one or more user segments against entire or portion of general reference sequence corresponding to accepted standard genome map.

20 In this alignment process which compares user genetic terms against known sequence and associated conditions, server software may now evaluate actual personal genetic data that uniquely, albeit partially, describes bioinformatic profile of transaction

participant. Meanwhile, user still effectively masks or screens other non-volunteered, presumably more confidential or less essential for transaction qualification, sequence segments from outside party review.

5        Such software may then generate comparison, mapping, analysis, or other evaluation results to indicate how such user segment revelation indicates or suggests likelihood or risk of having or developing certain genetically-based conditions that are indicated by matching certain sequence terms or groups thereof according to one or more predefined rules or heuristics.

10      One or more heuristic or rule may be provided similarly to one or more actuarial or risk table or transmitted in electronic form as a computational model following one or more high-level programming or spreadsheet language, such as C/C++ or other database management syntax. Further, such heuristic or rule may provide numerical or statistical  
15     instructions or groupings to assign or calculate one or more risk profile values to one or more user applicants according to individual characteristics, such as age, sex, smoker status, marriage status, prior medical history, etc.

20      Also, such heuristic or rule may allow applicable transaction evaluation software automatically to assign or compute one or more risk profile values to one or more user applicants according to pre-specified genetic mapping table or formula, particularly determining such risk profile value according to the presence or absence of one or more

matching or non-matching genes at designated locations, sequence segments, or sets thereof, whereupon such designated locations, segments, or sets thereof, correspond and indicate a certainty, likelihood, unlikelihood or other predictive value associated with one or more genetically-based condition, medical disease, or other related factor.

5

Hence, users may permit screening, masking, filtering, or other secured approach to recognize or identify certain differentiated or identical genetic elements or functional structures related to, as a subset of, or otherwise comparable to a personal sequence file, such as a more complete general human genome or other personal reference sequence  
10 definition.

Additionally, such bioinformatic data or genetic term may be based on a established or calculated statistical or actuarial table or other database and genetic or heredity profile associated with the particular user or set thereof. Bioinformatic values or  
15 genetic terms may be determined by or through one or more network-accessible servers, and such values or terms are stored confidentially in one or more local or remote database associated therewith.

Processing of bioinformatic value or genetic term for enabling transaction with  
20 one or more user is performed dynamically in real-time according to one or more rule set applicable to one or more users assigned, classified, or otherwise provided in one or more temporal or jurisdictional grouping or category, preferably on non-discriminatory basis or

other equitable threshold or fairness-based criteria among equivalently qualified or classified group members. In certain cases, bioinformatic value processing may indicate identical genetic terms, suggesting possible fraudulent sample data, sequence clone or twin matching, or other alert state to be reported and investigated.

5

Preferably, one or more public servers 8 provide updated database 11 containing acceptable or non-discriminatory sample sequence segments or index (i.e., so-called SNP) for defining user bioinformatic screening values, for example, resulting from ongoing, reliable, quality medical and scientific genetic research. Hence, in this  
10 organized screening scheme, various on-line transaction and other service providers may conduct more predictable analysis and evaluation of potential customers and service applicants, as described herein.

For example, one or more user or transacting servers may generate a potential  
15 discrimination-violation or other representative signal indication or report upon comparing equivalently profiled bioinformatic data for multiple user applicants for a given transaction offer, but one or more user applicant(s) is provided substantially advantageous transaction terms or policy rates over other user applicants, particularly where genetically-based difference between such advantaged vs. disadvantaged  
20 applicants substantially arises in non-permitted classifications according to specified rule set or heuristics, such as racial or ethnic character.

Optionally, one or more sequence segments may be designated by transaction processing rule set or heuristics to be block or otherwise disregarded from consideration for transactional risk analysis, otherwise, detection of such restricted analysis may result in discrimination indication, as described herein.

5

Optionally, one or more sets of multiple bioinformatic values and/or genetic terms which are associated with one or more users are determined, modified, tiered, ranked, or otherwise generated accordingly. Thus, present or previous transaction with specified user(s) according to prior or initial bioinformatic values may be modified correspondingly, for example, when newly-provided bioinformatic value represents increase or decrease of likelihood or risk of given user having or developing certain genetically-based condition.

When same or substantially equivalent bioinformatic value or genetic term is determined or associated with multiple users, corresponding transaction or other operation applicable with each user occurs confidentially, preferably processed separately according to each user bioinformatic value or genetic term on effectively non-discriminatory basis.

Preferably, network client or device associated with particular user or group thereof may process or couple to network 2 for interactive access and transaction therewith. For example, bioinformatic value or genetic term may be generated for one or

more transaction operations in secure authenticated process by implantable or portable user device. Optionally, user account or repository provided in, or accessible to, user device is updated to identify, meter, or otherwise record billing charges, amount, frequency, quality, or other factor or account credits regarding certain or each user  
5 transaction or related network activity.

It is contemplated generally herein that user server or device module 12 may be implemented in various network-accessible or stand-alone personal computers, engineering workstations, personal digital assistants, processors, microcontrollers,  
10 servers, network appliances, or other addressable nodes, which provide storage and processing function.

Preferably, user device 12 includes one or more memory circuits or database software structure 13 for storing bioinformatic value or genetic term associated with one  
15 or more user, and microprocessor for securely controlling access to stored values and terms through network 2. Device microprocessor may enable secure access and transaction between servers 4, 6, 8, 10, 12, 14, 16. In particular, microprocessor may determine, flag, monitor, alert, or otherwise signal specified transaction conditions, such as unsecured access, multi-user transaction, same bioinformatic value condition, rule-  
20 violation transaction discrimination, etc.

FIG. 1b flow chart shows network 2 operational steps generally for automating bioinformatic transaction, whereby on-line or interactive digital service or other electronic messaging is secured using user-released genetic profile or subset.

5       Initially, network 2 is configured 20 to couple various addressable compute nodes  
4, 6, 8, 10, 12, 14, 16, including associated corresponding heterogeneous or homogeneous databases 6, 7, 9, 11, 13, 15, 17 for appropriate client-server or peer-peer communications, control, and file-transfer relationships. Preferably, each server 4, 6, 8, 10, 12, 14, 16 coupled thereto is checked for secure authorization and appropriate  
10 participation or file access levels. As necessary to support and scale for increased network transaction load, additional servers and database may couple and be registered as users or service providers for one or more probable or qualified transaction groups.

15     One or more client or user 12 node may then be set-up 21 as well for network configuration and subscription for one or more specified network transaction categories or access groups. User device and software testing may be performed remotely for current calibration. Preferably, one or more network server provides transaction management control and overall servicing to coordinate messaging between transaction providers and various active or possible user devices coupled thereto.

20

One or more databases 5, 7, 9, 11, 13, 15, 17 may then be recognized, initialized, updated, or otherwise defined 22 as part, currently or potentially, for one or more

specified network transaction categories or access groups. Heuristics or other rule sets as well are recognized, initialized, updated, or otherwise defined within one or more such databases for network access.

5 Preferably, any applicable bioinformatic or biogenetics-related database, heuristic, or rule format, specification, and interface or access requirements, for example, as used in conjunction with electronic data, signal, file or network transfer and communication, which complies with one or more published or industry-adopted standards or syntax, as well as conventional extensions thereof, are hereby incorporated by reference.

10

One or more software programs, application-specific programs, automation tools, or other transaction code are recognized, initialized, updated, or otherwise defined 23 as part, currently or potentially, for one or more specified network transaction categories or access groups.

15

One or more transaction or other operational message is transmitted or initiated 24 between client or user server and one or more other server accessible thereto through network 2. For example, representative initial message may be provided through network browser or other applications screen to introduce, advertise, remind, suggest, alert, or 20 otherwise relate to medical or health insurance policy, marketing promotional offer for certain merchandise, or other personalized service communication.

In accordance with one aspect of bioinformatics-based transaction model, user profile or genetic risk mapping 25 occurs, dynamically determining or analyzing medical or other genetic-based exposure, for example, by comparing confidential user data or volunteered sequence subset to specified actuarial tables, heredity background and propensity, transaction pre-qualification rule set for assigning one or more user risk determinations to corresponding present or absent genetic sequence or other heuristic analysis tools to predict or calculate user likelihood of having or being predisposed to one or more genetically-based conditions.

10        In particular, bioinformatic classification of personal risk profile is securely authorized using logical masking or screening procedure to filter effective user subset of reference gene sequence or related structure, relatively efficiently without necessarily identifying, transmitting, or storing complete or significant portion of content of confidential user genetic sequence data.

15        Selective segment revelation, preferably limiting disclosure deliberately by user only to personal gene sequence locations associated with transaction evaluation and related personal risk, particularly where established research data confirms high correlation between certain sub-segment sequencing and occurrence or likelihood of 20 certain medical or disease conditions, significantly reduces exposure of confidential bioinformatic data, and general data size for transmitting, storing, and analyzing such

data, since more complete personal gene sequence or genome is not disclosed or processed.

Hence, upon user profile mapping 25, secure network transaction system obtains  
5 user-authorized genetic term or bioinformatic profile, and responsively transacts 26 on-line service or other transactional operation, for example, according to genetically-based user medical or other risk determined therefrom.

As further illustration, certain insurance company transaction server 4 may  
10 determine for particular user applicant that provided and authorized bioinformatics value, as determined from selected sequence masking of reference genome results in 0-5% likelihood or risk profile that such candidate insuree be exposed to serious health condition or diseases (such as heart problem) within given temporal range of 5-year policy and California jurisdictional residence, and additionally that such applicant's  
15 hereditary and other non-genetic profile (e.g., non-smoker, no family cancer) does not significantly contribute to calculated risk.

Advantageously, insurance company may benefit from having more accurate determination of applicant risk profile, while applicant benefits as well from potentially  
20 lower policy rates due to favorable bioinformatic value submission.

User transactions and/or corresponding services are modifiable 27 according to bioinformatic data representing genetically-based risk increase or decrease. Data is securely processed, modulated, and stored by one or more network server for remote access and transaction using various portable user devices. Insurance policy, promotional offer, or other service may dynamically address and be modified accordingly based upon genetically-based condition in virtually real-time.

After current transaction or servicing is completed 27, new transaction messaging operations 24 may be re-started 28 to accommodate new or revised transaction requirements. Various transaction applications may continue with one or more related messaging or signaling between transaction server and user, as appropriate to conduct particular transaction.

Moreover, after user profile mapping 25 is completed, user setup and testing 21 may be restarted 29 to accommodate new or revised user or client network participation. Accordingly, present bioinformatics-based transaction scheme may continue on ongoing basis, responding dynamically to user requests, modifications, or signals.

As described herein, bioinformatic data classifies user per personal mask which filters subset of user genetic sequence, and risk profile is calculated according to actuarial statistics, genetics and/or heredity, preferably using non-discriminatory rules specified for users in temporal or jurisdictional groups. Temporal grouping may be according to age,

relevant time/day/week/month/year etc. Jurisdictional grouping may be according to address/community/city/state/country etc.

FIG. 1c diagram shows preferred functional configuration of user module 30,  
5 which may include network communications interface 31 for coupling user module to network 2 for remote signaling and data access; processor and storage 32 for computing and storing digital instructions, signals, and data; database manager 33 for controlling and managing read, write, modify, and delete access to database 13; one or more user mixed-signal sensors 34 for electronically detecting one or more biometric or bioinformatic  
10 values, or conditions associated with user; secure identification checker 35 for authenticating correct user via text, signature, voice, retinal, fingerprint, or other identifiable objective input; visual and/or audio display screen/speaker media output interface 36 for communicating transaction messages with user; user monitor input 37 for monitoring user video and/or sound input for communication therewith; and applications  
15 peripheral and related interface or bus or signaling structure 38 for coupling user module 30 to other specific or general digital or analog devices for communication or signaling therewith. It is contemplated herein that user device may be more simplified, including merely storage and processing function to handle secure bioinformatic data access.

20 As described herein, user module 12, 30 is embodied preferably in any portable network-accessible device which may store user bioinformatic data and control network access to stored data.

FIG. 2 diagram shows sample bioinformatic data structures, including reference sequence 40 (partial), mask subset 42 as well as indexing flags 44 aligned therewith, and classification object 46. Optionally, flags 44 may correspond with one or more so-called 5 single nucleotide polymorphisms (SNPs), and thereby associate, mark, link, map or otherwise indicate user propensity for illness or particular disease or combination thereof.

In particular, data structure represented by mask 42, or representative or functional indication, thereof is preferably provided or released by user to authorize or 10 otherwise permit network transaction activity, and may designate one or more bioinformatic value or genetic term which uniquely references or personally identifies user risk classification or other genetically-based grouping.

In this more secure methodology, predictive value of user being subject or likely 15 to contract genetically-based condition or disease is determinable from bioinformatic value or genetic term. Thus, in network computer relationship, one or more parameter, term, condition, or other of specified classification for applicable user transaction(s) depends directly or indirectly on such bioinformatic, genetic, or predictability value accessible thereto electronically.

20

Hence, mask 42 and/or index 44 effectively enables simplified (e.g., positive exposure, or negative block) screening, filtering, or other approach to recognize or

identify certain differentiated or identical genetic elements or functional structures related to, as a subset of, or otherwise comparable to a personal sequence file, such as a more complete general human genome or other personal reference sequence definition.

5        In preferred embodiment, it is contemplated that one or more user or other reference human gene sequence or genome set is pre-determined and stored as a relatively large sequential file in one or more database accessible via network 2. However, in accordance with one or more aspect of present invention, user may confidentially test using conventional gene sequencing methods his or her biological material, such as hair, 10 blood, etc., to obtain personal genetic sequence or selected segments thereof.

For example, user-disclosed bioinformatic data or related genetic values may be selectively revealed or authorized, depending on applicable transaction server application, such as medical screen segmentation for insurance company considering future health 15 risk, and non-medical screen segmentation for potential employer considering future management capabilitites. Confidential laboratory data may be stored or accessed, in full sequence or partially masked, with proper authorization from database 15 of lab server 14.

20        As discussed herein, one or more selected portions of such personal sequence may be defined and released preferably on confidential basis as logical screen or access key to expose or block gene sequence data from other-party transaction scrutiny. Such limited

exposure may adequately enable transaction party to define or modify transaction terms, such as personal medical risk to specify insurance policy rates.

Foregoing described embodiments of the invention are provided as illustrations  
5 and descriptions. They are not intended to limit the invention to precise form described.  
In particular, Applicant contemplates that functional implementation of invention  
described herein may be implemented equivalently in hardware, software, firmware,  
and/or other available functional components or building blocks. Other variations and  
embodiments are possible in light of above teachings, and it is thus intended that the  
10 scope of invention not be limited by this Detailed Description, but rather by Claims  
following.

Claims

What is claimed is:

1. Automated transaction method comprising the steps of:  
determining a bioinformatic value associated with a user; and  
5 transacting with the user according to the bioinformatic value.
  
2. The method of Claim 1 wherein:  
the bioinformatic value comprises a likelihood or risk of the user having or  
developing a genetically-based medical or physiological condition, wherein the  
10 transaction step comprises providing the user with an insurance policy to cover the  
occurrence of the genetically-based condition.
  
3. The method of Claim 1 wherein:  
the bioinformatic value comprises a likelihood or risk of the user having or  
15 developing a genetically-based mental or emotional condition, wherein the transaction  
step comprises providing the user with a service contract in contemplation of the  
occurrence of the genetically-based condition.
  
4. The method of Claim 1 wherein:  
20 the bioinformatic value comprises a likelihood or risk of the user having or  
developing a genetically-based condition, wherein the transaction step comprises

providing the user with a promotional offer or bid to serve the genetically-based condition.

5. The method of Claim 1 wherein:

the bioinformatic value comprises a classification of the user according to a user-authorized mask, such mask comprising a subset of a genetic sequence associated with the user.

6. The method of Claim 1 wherein:

10 the bioinformatic value comprises a likelihood or risk of the user having or developing a genetically-based condition based on a statistical or actuarial table and a genetic or heredity profile associated with the user.

7. The method of Claim 1 wherein:

15 the bioinformatic value is processed for transaction with the user according to a rule set that is applicable to a plurality of users in a temporal or jurisdictional grouping on a non-discriminatory basis.

8. The method of Claim 1 further comprising the steps of:

20 determining an other bioinformatic value associated with the user; and modifying the transaction with the user according to the other bioinformatic value.

9. The method of Claim 8 wherein:

the other bioinformatic value comprises an increase or decrease of likelihood or risk of the user having or developing the genetically-based condition.

5

10. The method of Claim 1 wherein:

the bioinformatic value is determined by a server in a network, and the bioinformatic value is stored confidentially in a database associated with the server, the server transacting remotely with the user through the network to enable a medical service for the user.

10 for the user.

11. The method of Claim 1 wherein:

the bioinformatic value is associated with an other user, and the transaction according to the bioinformatic value occurs separately with both users on a confidential and non-discriminatory basis.

15

12. The method of Claim 1 wherein:

the bioinformatic value is authentically generated by a portable user device, the transaction updating a user account, which is accessible by the user device.

20

13. Secure network client device comprising:

a memory for storing a genetic term associated with a user; and

a processor for enabling a network access to the genetic term to provide a secure transaction with the user.

14. The device of Claim 13 wherein:

5        a predictability value of the user being subject to a genetically-based condition is determinable from the genetic term, a parameter of the transaction being dependent on the predictability value.

15. The device of Claim 13 wherein:

10        the genetic term comprises a user permit effectively for screening a personal reference sequence.

16. The device of Claim 13 wherein:

the genetic term comprises a revised subset of a genetic sequence associated with  
15        the user.

17. The device of Claim 13 wherein:

the processor enabling access to provide transaction with a plurality of network  
servers.

20

18. The device of Claim 17 wherein:

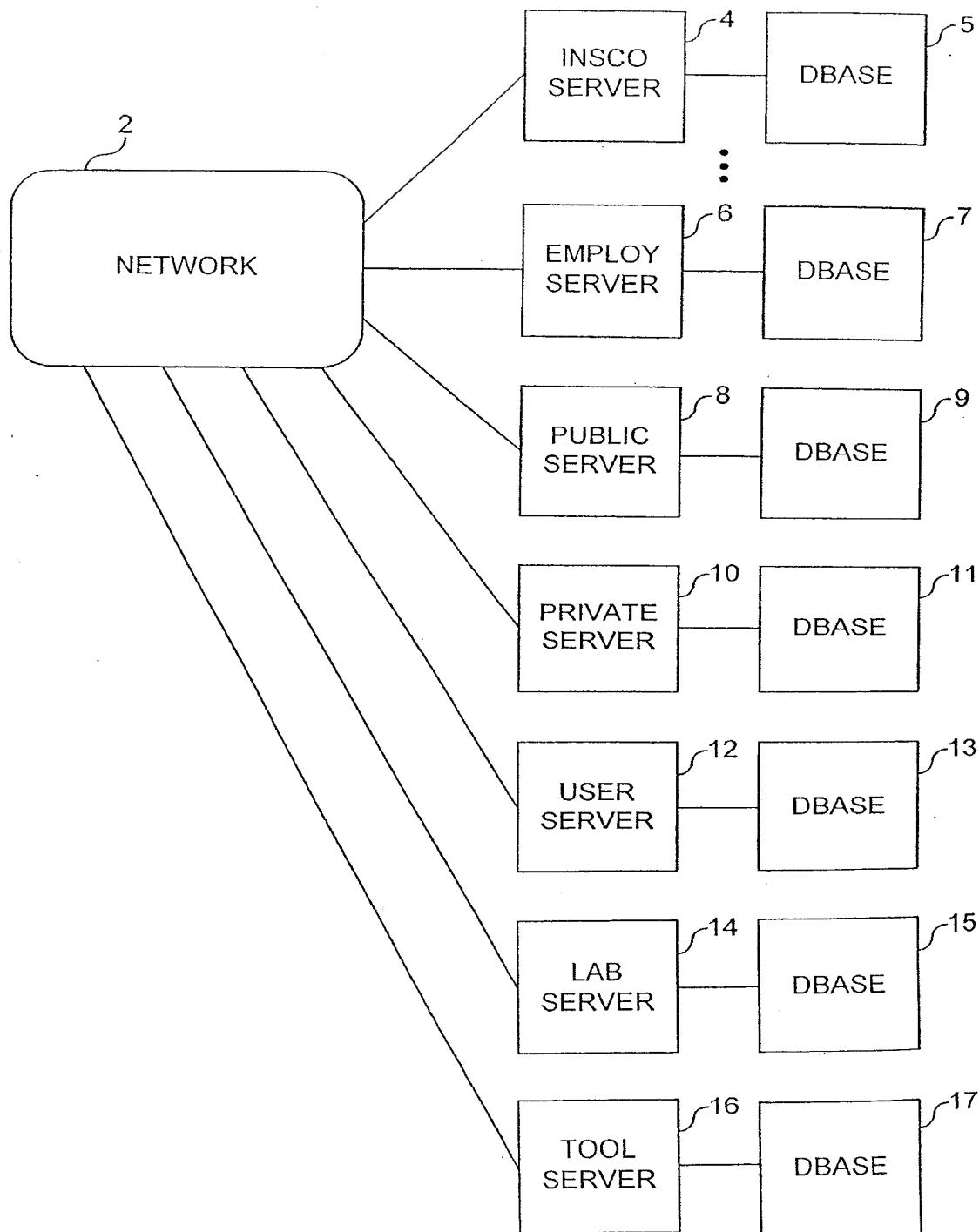
the processor determines a discrimination indication between a plurality of network transactions.

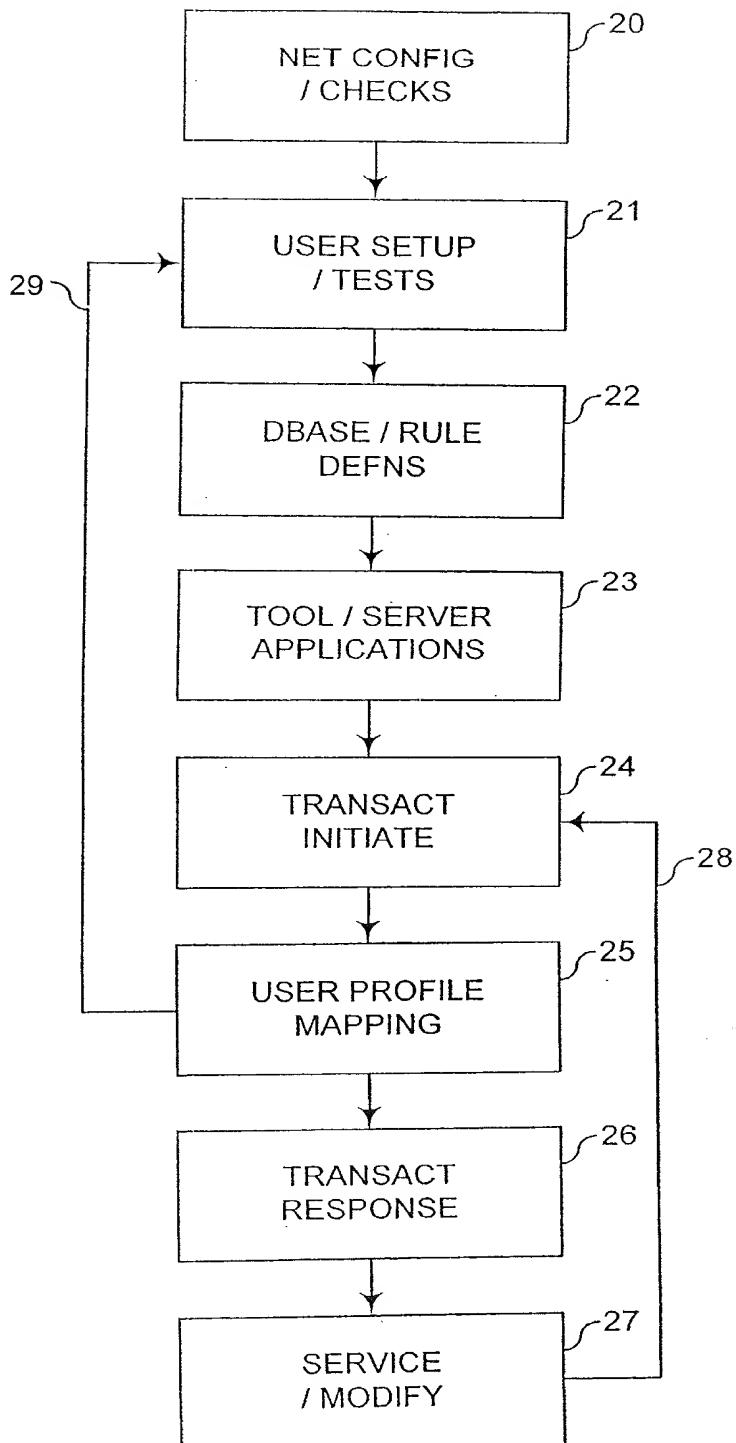
19. A data structure for bioinformatic transaction comprising:
  - 5 a user identifier; and
  - a genetic sequence subset mask,  
whereby a user reference sequence is processable securely using the genetic sequence subset mask.
- 10 20. The data structure of Claim 19 wherein:  
the user identifier and the genetic sequence subset mask are encodable digitally according to a spread spectrum procedure.

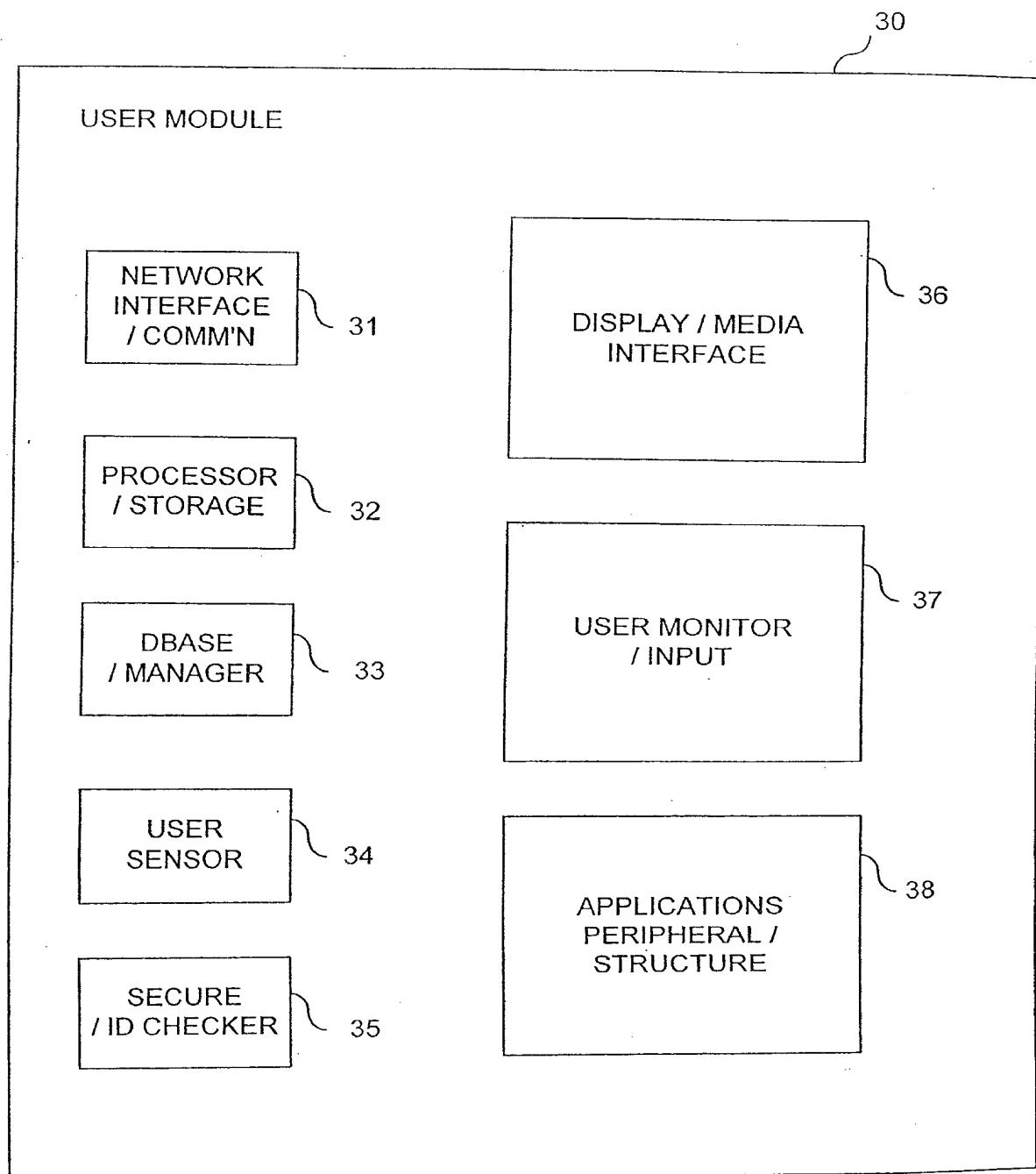
Abstract

Secure network transaction system obtains user-  
5 authorized genetic term or bioinformatic profile, and  
transacts online service according to genetically-based user  
medical or other risk determined therefrom. Insurance  
policy, promotional offer, or other service may dynamically  
address genetically-based condition. Bioinformatic data  
10 classifies user per personal mask which filters subset of  
user genetic sequence. Risk profile may be calculated  
according to actuarial statistics, genetics and/or heredity  
using non-discriminatory rules specified for users in  
temporal or jurisdictional groups. User transactions are  
15 modifiable according to bioinformatic data representing  
genetically-based risk increase or decrease. Data is  
securely processed, modulated, and stored by network  
server for remote access and transaction using various  
portable user devices.

20

**FIG. 1A**

**FIG. 1B**

**FIG. 1C**

**FIG. 2**